

令和 4 年 5 月 24 日現在

機関番号：11501

研究種目：基盤研究(C) (一般)

研究期間：2019～2021

課題番号：19K06085

研究課題名(和文)小笠原諸島の外来種クマネズミに対する全島駆除の効果検証

研究課題名(英文)Verification of the effect of whole island extermination of exotic rats in Ogasawara Islands

研究代表者

玉手 英利(Tamate, Hidetoshi)

山形大学・学内共同利用施設等・学長

研究者番号：90163675

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 3,400,000円

研究成果の概要(和文)：小笠原諸島におけるネズミの遺伝学的集団構造を明らかにする目的で、父島・母島列島の15地域で捕獲した個体の遺伝子解析を行った。その結果、ミトコンドリアDNAの系統では、列島北部に*R. rattus*、東部と中央部に*R. rattus*と*R. tanezumi*、南部に*R. tanezumi*が分布することが明らかとなった。核遺伝子では、北部と南部で大きな分岐を持つ集団構造が検出された。この結果は、導入された2系統が交雑した後、隔離または集団サイズの減少により分集団構造が形成された可能性を示唆している。

研究成果の学術的意義や社会的意義

本研究では小笠原諸島の生態系に大きな影響を及ぼしている侵略的外来種のクマネズミの分布拡大プロセスを明らかにすることを目的にした。各島で捕獲された個体の遺伝子を調べたところ、父島諸島では起源が異なる2系統の交雑が進んでいること、父島諸島と母島を含む調査地域では島を越えた個体の移動が過去にあった可能性が示された。これらの結果は駆除事業を策定する際に基礎資料として活用できると考えている。

研究成果の概要(英文)：To understand the population structure and genetic interactions of rodents in the Ogasawara Islands, we conducted genetic analyses of individuals captured in 15 areas in the Chichijima and Hahajima archipelagos. Mitochondrial DNA analysis showed that *R. rattus* is distributed in the northern part of the archipelagos, *R. rattus* and *R. tanezumi* in the eastern and central parts, and *R. tanezumi* in the southern part. A population structure with large divergence between the northern and southern parts was detected in the nuclear gene. This result suggests that the two introduced lines may have interbred and then formed a subpopulation structure through isolation or reduction in population size.

研究分野：生物多様性

キーワード：分子系統地理 遺伝学的集団 外来種

## 1. 研究開始当初の背景

小笠原諸島の貴重な固有種を捕食する外来種ネズミ類に対して、父島諸島では過去に複数回にわたり駆除事業が実施されてきた。しかし、2007年の一斉駆除には、弟島、西島、兄島、瓢箪島、人丸島、南島でクマネズミが再出現した。これらの個体が、駆除後の生き残り個体からの繁殖によるものか、あるいは駆除が実施されていない他島からの新規移入なのかを明らかにすることは、今後の駆除対策を策定するうえで重要となる。再出現個体の出自を明らかにする方法としては、遺伝子分析が有効な手段と考えられる。しかし、対象集団内で、遺伝的組成の均一化が進んでいる場合には、もはや残存個体と移動個体を区別することは困難となる。そこで、本研究では、小笠原諸島のクマネズミの遺伝的多様性を把握したうえで、駆除の効果を検証する手段としての遺伝子分析の有効性を検討することを目標とした。

## 2. 研究の目的

本研究の目的は、小笠原諸島のクマネズミ集団の遺伝的組成を明らかにして、根絶対策の策定に資する情報を得ることである。そのため、マイクロサテライトとミトコンドリア DNA の両マーカーを用いて、父島と各島の集団の遺伝的差異、現在の集団構造、地域間移動の可能性等を調べて、遺伝子組成が地域によってどれくらい異なるのか、また、地域が異なる個体を遺伝子分析でどこまで区別することができるのかを調査した。

## 3. 研究の方法

一般社団法人自然環境研究センターが実施した「小笠原地域自然再生事業生態系保全のための外来ほ乳類対策調査」で捕獲された父島諸島と母島の個体から得られた遺伝子型データを用いて分析を行った。核遺伝子では 11 種類のマイクロサテライトマーカーを用い、父島の一部の個体と南島および母島の個体については、さらに 3 種類のマイクロサテライトマーカーを加えた分析を行った。マイクロサテライトマーカーを用いた解析では、近隣結合法で系統樹を作成し、地域集団間の遺伝子構成の違いを主座標分析で視覚化し、分集団構造をアサインメントテストで推定し、島間の移住率 (migration rate) をベイズ法で求めた。さらに、ミトコンドリア DNA の Cytochrome c oxidase I の部分配列 588bp と Cytochrome b の部分配列 945bp の塩基配列を決定して、最尤法および最小進化法で系統解析を行った。

## 4. 研究成果

小笠原諸島では起源が異なる 2 系統が交雑している

ミトコンドリア DNA の系統では、小笠原諸島には *R.rattus* と *R.tanezumi* の 2 系統があることが確認された。調査地域全体で見ると北部 (弟島、兄島北部) では *R.rattus* 系統のみ、南部 (父島、南島) では *R.tanezumi* 系統のみが分布し、両者の中間に位置する兄島東部、南部、瓢箪島、人丸島、西島では二つの系統が同所的に分布していた。本研究で確認された *R.rattus* 系統はインド、南アフリカ、東アフリカと遺伝的に近縁であるため、欧米の捕鯨船によって移入された可能性がある。一方、*R.tanezumi* 系統は東京、奄美諸島、東南アジアと同じもしくは近い配列であることから、南洋諸島方面からの輸送船から移入された可能性が考えられる。2 系統の間の交雑状況を調べるために、兄島と瓢箪島についてマイクロサテライト DNA の主座標分析を行った。その結果、*R.rattus* 系統の個体と *R.tanezumi* 系統の個体の遺伝的組成が大きく分かれることはなく、核遺伝子では交雑が進んでいることが示唆された (図 1)

島間の移動率は場所によって異なる

マイクロサテライト DNA を用いた島間移動率の推定では、兄島から弟島へ、人丸島から兄島へ、母島から父島への移動率が特に高く、それ以外の島間での推定移動率は比較的に低かった (表 1)。移動が起こった時期が一斉駆除の前後いずれであるのかは、このデータだけでは結論づけられないが、島間での移動が生じやすい地域があることは考えられる。

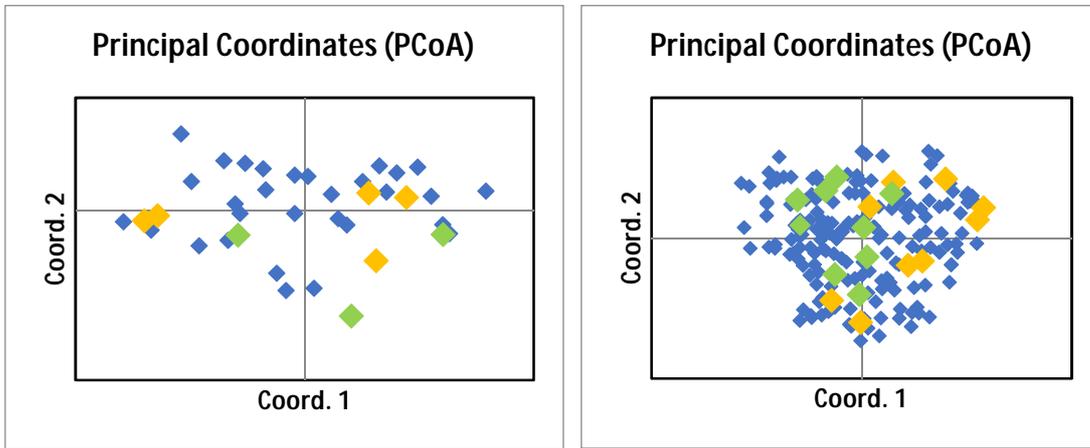


図1 兄島個体（右図）と瓢箪島個体（左図）の主座標分析

で示すサンプルのうち系統解析を行った個体について、*R.rattus* 系統を黄色、*R.tanezumi* 系統を緑色のラベルで表示。

表1. 島間のmigration rate

		To							
		Otouto	Ani	Hyotan	Hitomaru	Nishi	Chichi	Minami	Haha
From	Otouto	0.9401	0.0086	0.0086	0.0086	0.0085	0.0084	0.0086	0.0085
	Ani	<b>0.1378</b>	0.8469	0.0046	0.0018	0.0027	0.0026	0.0018	0.0019
	Hyotan	0.0117	0.0095	0.9423	0.0071	0.0076	0.0073	0.0072	0.0072
	Hitomaru	0.0284	<b>0.2462</b>	0.0134	0.6755	0.0092	0.0092	0.0091	0.0090
	Nishi	0.0236	0.0228	0.0312	0.0092	0.8826	0.0122	0.0091	0.0092
	Chichi	0.0216	0.0164	0.0060	0.0040	0.0074	0.9364	0.0041	0.0040
	Minami	0.0223	0.0223	0.0226	0.0222	0.0220	0.0440	0.8226	0.0220
	Haha	0.0256	0.0258	0.0252	0.0260	0.0253	<b>0.1340</b>	0.0258	0.7124

略号：Otouto（弟島）、Ani（兄島）、Hyotan（瓢箪島）、Hitomaru（人丸島）、Nishi（西島）、Chichi（父島）、Minami（南島）、Haha（母島）

遺伝的な集団構造は父島を境にして南北に大きく分かれている

マイクロサテライト DNA で作製した近隣結合系統樹では、南島と母島が他島と大きく離れる結果となった（図2）。父島諸島のなかでは、父島が他島との距離が最も大きい一方、西島、瓢箪島、人丸島、兄島東部・南部の遺伝的距離は比較的小さい。アサインメントテストの結果では、（弟島、兄島、瓢箪島、人丸島、西島）と（父島、南島、母島）の2つの分集団に分かれる結果となった（図3、青と赤でしめした部分）。また、各島・地域での private allele（特定の地域のみ存在する変異）の割合を測定した（図4）。

系統解析では、父島と南島・母島が大きく離れるにもかかわらず、アサインメントテストでは3島が単一集団になったことと、また、南島には private allele が無く母島でも非常に少ないことから、父島と南島・母島の間の遺伝的分化に寄与する要因としては、遺伝的浮動の効果が大きいと結論づけられた。

島間・地域間での遺伝的な違いは少ない

地域間で遺伝的にどれくらい違いがあるかを示す固定指数（Fst）を求めたところ、弟島から兄島北部までの地域、また兄島東部から父島南部までの地域では、Fst が0.1以下で、遺伝的違いが少ないことが示された（表2）。

調査地全体を対象とした主座標分析では、弟島、瓢箪島、南島、母島は他島と分かれる傾向はあったが、兄島と父島が全象限に広がり他島と明確に分離することはなかった（図5A）。しかし、父島、南島、母島のサブデータセットについて主座標分析を行うと、3島のサンプルは比較的に分離した（図5B）。さらに、弟島と兄島のサブデータセットの主座標分析では、両者の重なりは少ないが（図5C）、西島と兄島のサブデータセットでは半数の西島サンプルは兄島サンプルと重なっていた（図5D）。

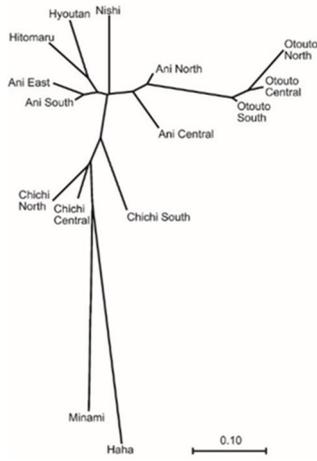


図2 近隣結合系統樹

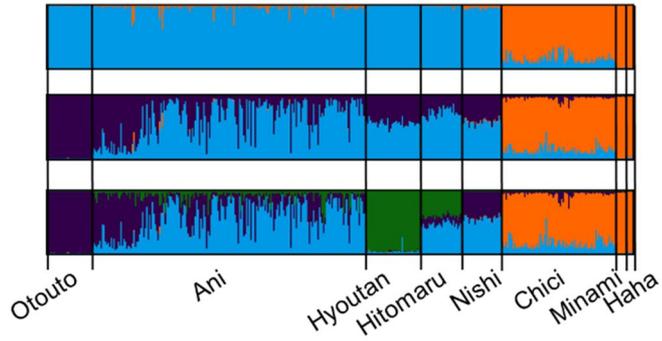


図3 アサインメントテストによる分集団構造の推定

上段から順に分集団の数を2, 3, 4と仮定した結果を示す。

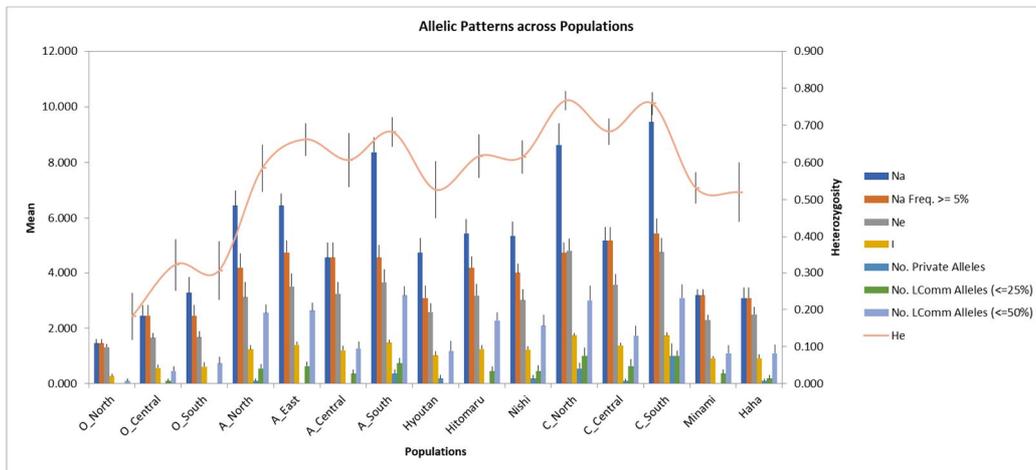


図4 各島・地域の遺伝的多様性

Naはアレルの数、Neは有効アレル数、Iはシャノン指数、No.Private allelesはその地域でのみ観察されたアレル数、Heはヘテロ接合度。いずれも11遺伝子座の平均値。

表2 地域間の遺伝的分化 (Fst)

	弟島北部	弟島中部	弟島南部	兄島北部	兄島東部	兄島中部	兄島南部	飄筆島	人丸島	西島	父島北部	父島中部	父島南部	南島	母島
弟島北部	0.000														
弟島中部	0.102	0.000													
弟島南部	0.107	0.024	0.000												
兄島北部	0.124	0.072	0.074	0.000											
兄島東部	0.235	0.171	0.180	0.058	0.000										
兄島中部	0.159	0.109	0.108	0.034	0.066	0.000									
兄島南部	0.198	0.145	0.151	0.043	0.014	0.052	0.000								
飄筆島	0.219	0.185	0.187	0.087	0.061	0.082	0.055	0.000							
人丸島	0.216	0.171	0.173	0.063	0.039	0.049	0.036	0.041	0.000						
西島	0.187	0.151	0.164	0.056	0.048	0.085	0.044	0.100	0.089	0.000					
父島北部	0.244	0.173	0.181	0.071	0.038	0.081	0.034	0.097	0.073	0.060	0.000				
父島中部	0.231	0.168	0.172	0.064	0.043	0.069	0.037	0.091	0.069	0.067	0.032	0.000			
父島南部	0.220	0.158	0.167	0.059	0.035	0.068	0.031	0.098	0.070	0.051	0.018	0.033	0.000		
南島	0.306	0.270	0.267	0.184	0.163	0.183	0.158	0.216	0.191	0.178	0.135	0.142	0.116	0.000	
母島	0.409	0.319	0.343	0.211	0.129	0.218	0.139	0.205	0.201	0.160	0.111	0.147	0.122	0.230	0.000

Fst が 0.1 以下の dyad を黄色で表示

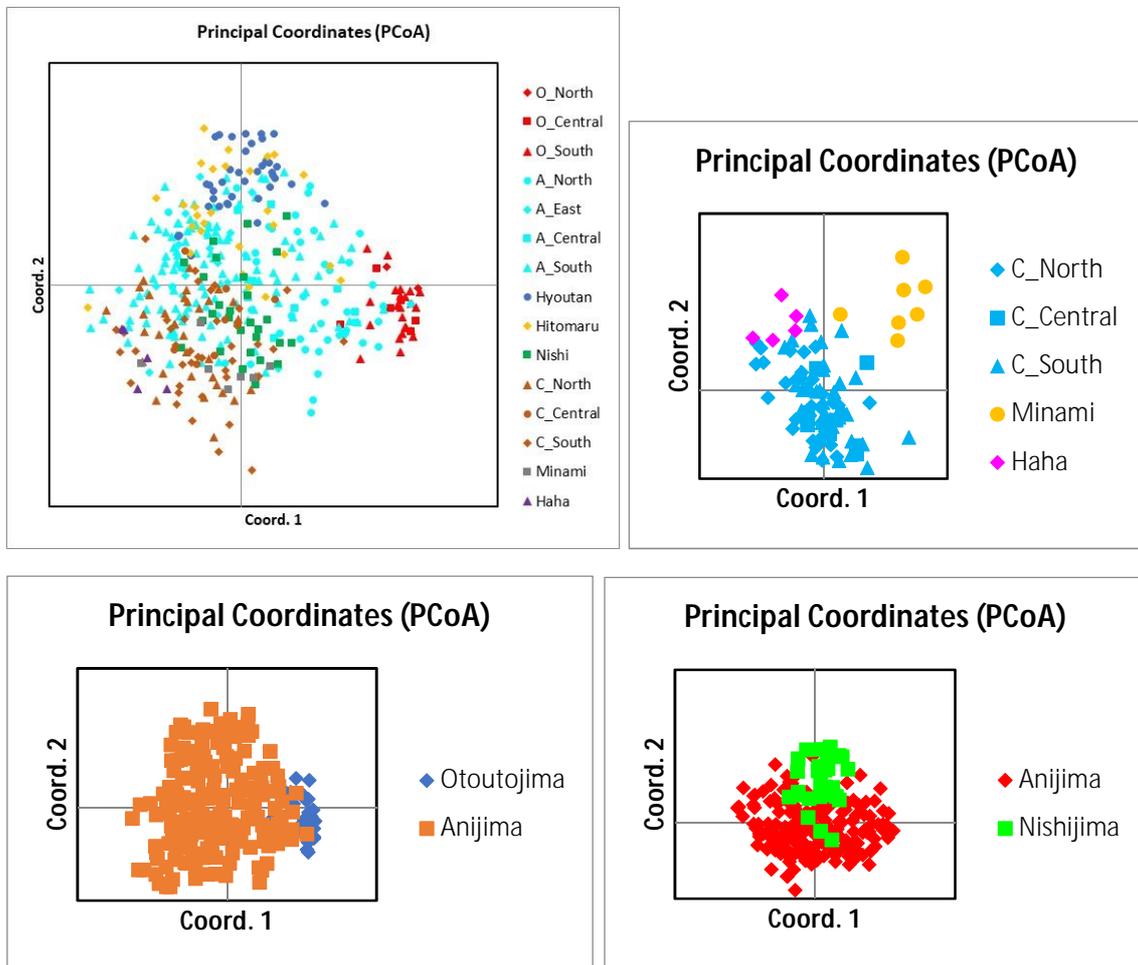


図5 地域サンプルの主座標分析

図5A(左上)調査地全体:略号はO(弟島)、A(兄島)、Hyotan(瓢箪島)、Hitomaru(人丸島)、Nishi(西島)、C(父島)、Minami(南島)、Haha(母島);図5B(右上)父島、南島、母島;図5C(左下)兄島と弟島;図5D(右下)兄島と西島

#### 駆除の効果を検証する手段としての遺伝子分析の有効性について

小笠原諸島のクマネズミは島間・島内の地域間の遺伝的分化の程度が低く、再出現個体の出自を特定する手がかりとなる地域特異的な遺伝的変異(private allele)が少ない。兄島南部、瓢箪島、西島、父島には複数のprivate alleleが存在するため、これらの島・地域から他島に移動した個体は、アサインメントテストや主座標分析などの手法で判別できる可能性がある。一方、固有の変異が全く無い弟島、兄島北部、東部、中部、人丸島、南島については、これらの島から外への移動を検出することは困難と思われる。確認されたprivate alleleの53%は遺伝子頻度が0.02以下と低いことを考慮すると、再出現個体の出自を明らかにするためには、既存のサンプルを対象として相当数のマイクロサテライトマーカーのスクリーニングを行って、手がかりとなるprivate alleleの情報を増やす必要がある。

侵入した生物の出自を明らかにするための手法として、多くの場合ベイズ法に基づくアサインメントテストや主座標分析のようなクラスタリングが用いられる。しかし、小笠原諸島のクマネズミの場合は遺伝的多様性が低いので、全体集団を対象としたクラスタリングで特定個体が帰属する島・地域を特定することは難しく2島間での帰属確率を比較する局所的クラスタリングのほうがより解像度が高い。そのための手法として、例えばA島で新たな個体が発見された場合、A島とB島の移動仮説に基づくクラスタリングを行い、同様の作業をA島と他島の組合せでも行い、それぞれの尤度を比較する方法が考えられる。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計0件

〔学会発表〕 計0件

〔図書〕 計0件

〔産業財産権〕

〔その他〕

-

6. 研究組織

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
研究分担者	兼子 伸吾  (Kaneko Shingo)  (30635983)	福島大学・共生システム理工学類・准教授    (11601)	

7. 科研費を使用して開催した国際研究集会

〔国際研究集会〕 計0件

8. 本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況

共同研究相手国	相手方研究機関